新書介紹

◎圖／文　農藝系　楊純明

氣象的混亂及氣候的異常，往往造成農業生產的損失，影響了農民生計及農村經濟。在大氣—土壤—作物此一系統下，全球溫暖化現象、氣候的異常及氣象的不規則性，將可能導致農業生產區移向極地、增加草原與沙漠面積、減少森林分佈及改變植物相與光合作用效率等，進而影響全球農業生產、生態系統及環境污染等狀況。本所爲加強農業氣象科學之試驗研究，增進全民對農業氣象之重視，特舉辦「農作物生產之新紀元～二十一世紀農業氣象之應用與發展研討會」，邀請專家學者專題演講並共同執筆，編輯成「農業氣象之應用與發展」乙書。本書全文計八章，詳實說明農作物生產與農業氣象之因果關係，並陳述有關台灣地區農業氣象觀測網之沿革與經過，期盼各界重視並廣泛利用農業氣象資訊，降低災害損失，因應未來氣候變遷，開創農作物生產新紀元。

ISSN 1017-0863
GPN: 2007900008
定價：NT$20元

ISSN 1017-0863

技術服務

漫談薇甘菊
臺灣木本植物之殺手—褐根病之診斷鑑定與防治
基因組資料庫的開發
台灣金線連之生育習性栽培繁殖與養生膳食
從水稻開花習性看去雄與授粉之雜交技術

48
90年12月出刊
發行單位：行政院農業委員會農業試驗所

目錄

第十二卷第四期
中華民國九十年十二月出版

封面說明：

台灣金線連之組織培養繁殖，係利用自然授粉後所得之成熟果莢，以無菌播種方式進行培養。

◎圖／文　農藝系蕭翌柱

出 版 者／行政院農業委員會農業試驗所
發 行 人／林俊義
總 編 輯／陳炳輝
執行編輯／黃淑華、楊舜臣、陳盈佑
地　　址／台中縣霧峰鄉萬豐村中正路189號
網　　址／http://www.tari.gov.tw
電　　話／(04)23302301
展售書局／
三民書局／台北市重慶南路一段62號　(02)23617511
正中書局／台北市衡陽街20號　(02)23821394
五南文化廣場／台中市中山路2號　(04)22260330
新建圖書廣場／彰化市光復路177號　(04)7252792
青年書局／高雄市青年一路141號　(07)3324910
承 印 者／榮裕實業股份有限公司
台中市南區大慶街二段20號
電話：(04)22624469 · 22618008
定　　價／NT 20 元
行政院新聞局出版事業登記證局版臺省誌字第8276號
中華郵政中台字第0759號執照登記為雜誌交寄
GPN: 2007900008
ISSN: 1017-0863　　NT$20

<農業新知>
01　漫談薇甘菊 —— 楊純明

<植物病理>
06　臺灣木本植物之殺手—褐根病之診斷鑑定與防治 —— 安寶貞 · 蔡志濃 · 黃秀華

<應用動物>
10　花虻—作物授粉及生物防治的好幫手 —— 吳子淦

<生物技術>
12　基因組資料庫的開發 —— 王子明 · 王強生

<組織培養>
17　台灣金線連之生育習性栽培繁殖與養生膳食（上） —— 蕭翌柱 · 蔡新聲

<農藝作物>
23　從水稻開花習性看去雄與授粉之雜交技術 —— 陳烈夫 · 曾東海 · 卓緯玄 · 呂椿棠

<園藝作物>
28　豌豆遺傳資源 —— 楊偉正 · 蕭吉雄

漫談薇甘菊

◎農試所農藝系　楊純明

一、前　言

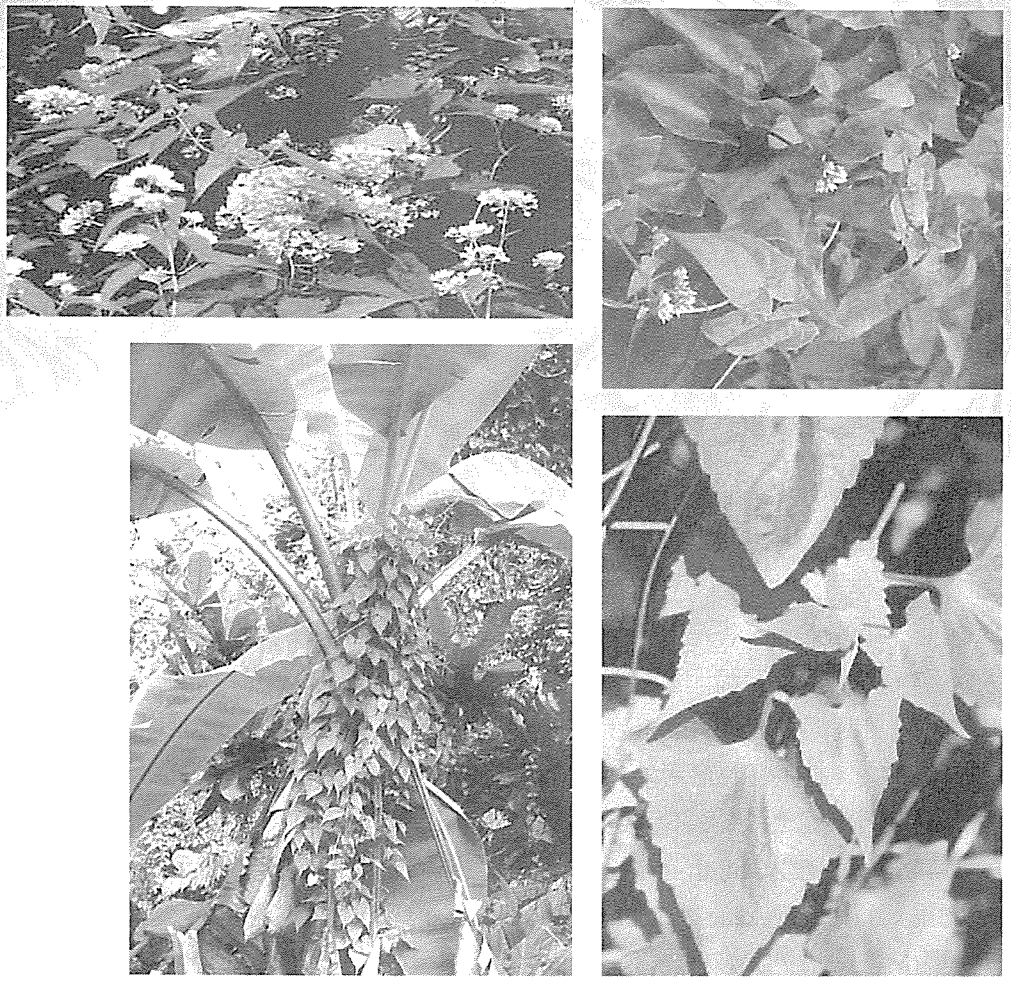
薇甘菊爲一新興侵略性植物(invasive plant species)，從中、南美洲起穿過太平洋諸島嶼至澳洲、太平洋西岸之印尼、新加坡、馬來西亞、中國大陸、香港、菲律賓至臺灣均見蹤跡，甚至蔓延至沿印度洋各國，引起各方重視。作者乃蒐集與綜合各項資訊及文獻撰寫成本文，提供各界參考。

經比對國外所指稱之薇甘菊似爲拉丁學名*Mikania micrantha* (L.) Kunth, Asteraceae者。該植物爲菊科(Asteraceae or Compositae)假澤蘭屬(Mikania)，英名mile-a-minute weed、chinese creeper、america rope或bitter-vine，法名liane americaine，另有其他不同地方俗名如fue saina (美屬薩摩亞)、wa mbo-suthu (斐濟)等(IPIF, 2001)。臺灣地區所發現外形相近的植物，是否爲此一物種，有待國內植物分類學者鑑定確認其歸屬。因爲，國內菊科原生植物有中名臺灣澤蘭(*Eupatorium formosanum Hay.*)及蔓澤蘭(*Mikania cordata* (Burm. f.) B. L. Rob)者，無論生態環境及外觀性狀均類似(游以德等，1989)，確實需要進一步查驗與鑑識。本文僅就*Mikania micrantha* (L.) Kunth, Asteraceae提出報告。

二、植物特徵

薇甘菊爲多年生草質或木質藤本植物(圖一及圖二)，亦爲唯一具有攀緣特性的菊科植物。其莖細長多分枝呈匍匐或攀緣，外無毛或短柔毛，幼時綠色近圓柱形，老莖淡褐色具多條肋紋。葉片位於莖中部呈三角狀卵形至卵形，莖基部葉心形先端漸尖(近戟形)，邊緣具數個粗齒或淺波狀圓鋸齒，上部葉漸小，葉柄亦短。葉片兩面無毛，基出3-7脈，葉柄長2-8 cm，葉長4-13 cm、寬2-9 cm。花爲頭狀花序，數多，在枝端常排列成複傘房花序狀，由頂端花往下陸續開放。頭狀花序長4-6 mm，含兩性小花4朵，可結實，花序梗纖細。綠色總苞片4枚，狹長橢圓形，頂端漸尖或急尖，長2-4.5 mm。總苞基部有一線狀橢圓形小苞葉，長1-2 mm。花有香氣，花冠白色或淡綠白色，呈管狀，長3-5 mm。黑色瘦果被毛，長1.5-2 mm，具5稜，被線體，白色冠毛由32-40條刺毛組

作者：楊副研究員純明
聯絡電話：04-23302301-135



圖一、蔓佈田野的薇甘菊(來源：薇甘菊是什麼? ，2001; IPIF, 2001)

成，長2-4 mm(Csurhes and Edwards, 1998; IPIF, 2001)。花果期各地不一，受到環境影響，在中國大陸廣東南部從8月至翌年2月，在香港爲10-12月。

三、地理分佈

薇甘菊原產中、南美洲，現已擴散至茅里西斯、聖誕島、斯里蘭卡、印度、孟加拉、泰國、馬來西亞、新加坡、印尼、菲律賓、南海島嶼、番禺、香港及中國大陸東南沿海地帶(如深圳、東莞、內伶仃島、廣州、……)等。太平洋諸島嶼、美屬薩摩亞、關島、英屬北馬里亞納群島(Rota)、米克尼西亞聯邦(Kosrae)、巴布亞新幾內亞、澳洲昆士蘭北部亦見群落(IPIF, 2001)。

1.植株之一部分；2.頭狀花序；3.小苞葉(外苞片)；4.總苞片；5.兩性花；6.花冠及雄蕊；7.雄蕊；8.瘦果；9.冠毛及其局部放大；10.瘦果橫切面。

圖二、薇甘菊之植物特徵(來源： 孔國輝等，2000)

印尼早於1949年從巴拉圭引入，作爲橡膠園土壤覆蓋植物，至1987年已發現蔓延於整個印尼，對香蕉、茶樹、可可及水稻造成危害。中國大陸約於80年代傳入東南沿海，香港於1919年及1984年均見報導謂在深圳發現相當數量。目前在香港市區、深圳、東莞、內伶仃島等地出現於破壞的林地邊緣、荒棄農田、路邊、疏於管理的果園、水庫、淡水污水溝與濕地邊緣、公園及自然保護區等。在熱帶美洲通常見於受干擾的環境、潮濕的土地、或沼澤地。

四、生活條件

薇甘菊常見與其他藤本植物成群落共生，主要木本性植物有野葛(*Pueraria lobata*)、五爪金龍(*Ipomoea cairica*)、及雞矢藤(*Paederia scandens*)等，在路邊、荒野曠地成爲優勢植物；草本性植物有海芋(*Alocasia macrorrhiza*)、蔓生莠竹(*Microstegium vagans*)、及五節芒(*Miscanthus floridulus*)等，在濕潤環境下最爲普遍。

影響薇甘菊生長的主要環境因素爲溫度、光照與水分。適合生長的年平均溫度在21℃以上，含水量在15%以上之土壤其植株生長旺盛，尤其在低窪濕地及水溝邊。在生長茂盛的薇甘菊生長地區，光照充足，有隨光照增強而生長加快的趨勢，其在林內蔓延時遇樹則攀緣而上的特性即爲實證。近地面的植株通常分枝較少且生長活力弱，分散在株冠頂層的部分則分枝多而生長旺，亦可說明其趨光特性(黃忠良等，2000)。由於薇甘菊常見於荒廢地、路邊、林地邊緣、疏於管理農田與果園等，土壤肥力似未嚴重限制其植株的生長，而在肥力充足、有機質豐厚、土壤水分與濕度高的地點生長非常旺盛(IPIF, 2001)。

五、植株繁殖特性

薇甘菊爲多年生植物，可同時行種子有性及植體無性繁殖，其生長快速的原因即其植體每一節位的葉腋均可長出爲新枝，而形成新的植株。有報導指其一天可生長2.7 cm，單一植株可在數月內覆蓋25 m²面積或一年蔓延1100 m²，因此國外有mile-a-minute weed(一分鐘一英哩雜草)之稱。另其植株發根力極強，莖節及節間都能發根(IPIF, 2001)。薇甘菊的種子產量甚爲驚人，據說單一植株每年可生產約4萬顆小又輕的種子(1000顆/1公克)，可藉風力及動物、昆蟲與人類活動等方式遠距離傳播。

六、對其他植物的危害

薇甘菊號稱植物殺手、植物剋星或生態入侵者，其藤本植物與趨光特性造成其植體攀爬纏繞其他木本植物(如喬木、灌木)、或直接覆蓋低矮花草，不僅重壓其冠層頂部，更因成整株覆蓋而遮蔽光照使之無法行光合作用與正常呼吸交換，阻滯附主植物的生長甚至導致”窒息”死亡。又薇甘菊亦與附主植物競爭環境資源，如水分、營養元素、二氧化碳，妨礙附主植物的正常生長。雖有資料懷疑薇甘菊可能會分泌相剋物質毒害其他植物，惟非正式文獻仍有待澄清。就現有資料發現，對於6-8 m以下天然次生林、人工速生林、經濟林、風景林等幾乎所有樹種，均可造成成片樹木枯萎死亡形成災害。顯然的，對農作物或其他植物言，薇甘菊可視爲侵略性雜草，值得進一步深入探討謀求因應對策。

香港及中國大陸近日廣泛報導薇甘菊的危害情形，據稱深圳梧桐山自然保護區及仙湖植物園已有不少珍貴植物因而死亡，並因此使得雀鳥及野生動物失去家園，進而造成整個生態網的危機(薇甘菊是什麼， 2001)。中國大陸廣東省珠江內伶仃島80%土地業已遭受薇甘菊占據，危害面積多達1,200公畝，大片林地枯萎且野生動物瀕於滅絕，而深圳市亦有近2,700公頃受害。所以，薇甘菊的危害包括直接對植物的侵害及間接的生態入侵，此一生態入侵可能造成生物多樣性的喪失或削弱。尤有甚者，當其入侵至自然保護區、公共建設及民衆社區時，或將造成生物滅絕、危及建物安全、及產生更廣泛的負面連鎖反應。因此，已有環保義工號召所謂清除薇甘菊行動，在香港及大嶼山大澳地區等地進行消除動作(薇甘菊是什麼，2001)。

七、防除與管理

國內目前尚未見有關薇甘菊之試驗研究，由上述其生長特性，至少可篩檢出三種處理方法進行雜草防除。(一)物理性機械法，採用人工或機械剪除植體，然由於薇甘菊的無性繁殖優勢恐難奏效，僅能獲得短期間的控制。(二)化學性藥劑法，選擇無選擇性的接觸型除草劑(如巴拉刈)及系統型除草劑(如嘉磷塞、2-4 D)聯合噴施，惟其正確適當的噴施方法尚待建立，已建立植株仍可能由基部恢復，難臻完全(Swarbrick, 1997)。(三)生物防治法，尋找合適的病、蟲源天敵施予生物防治。曾有人研究以*Liothrips mikaniae*、*Teleonemia sp.*、*Acalitus sp.*、甲蟲及薇甘菊滑薊馬等進行生物防治，但是結果仍未明確(Swarbrick, 1997; Waterhouse and Norris, 1987)。薇甘菊入侵成災的原因之一，即是其天敵並未同時跟來，形成局地生態失衡現象。因此欲解決外來植物生態入侵問題，應儘速引入或篩檢此植物原產地的專一食性又不危害其他植物之天敵，重新建立有害植物與天敵之間的動態平衡，達到相互調節與制約的機制。

生物防治具有控制時效長久、環境安全及成本低廉的優點，對於薇甘菊此類的侵略性植物，採用以生物防治爲主、化學及物理性方法爲輔的綜合防治體系，才是最有效與最根本的防治方法。

八、參考文獻

孔國輝等。2000。薇甘菊的形態、分類與生態資料補記。熱帶亞熱帶植物學報 8(2):128-130。

黃忠良等。2000。不同生境和森林內薇甘菊的生存與危害狀況。熱帶亞熱帶植物學報 8(2):131-138。

游以德、陳玉峰、無盈。1989。彩色圖鑑台灣原生植物(上)。p.98及p.100。淑馨出版社，臺北市。

薇甘菊是什麼? 2001。 From: http://www.members.ch.triodasia.com.hk/taio/new_page_e.htm

Csurhes, S and R. Edwards. 1998. Potential environmental weeds in Australia: Candidate species for preventative control. Queensland Department of Natural Resources.

Hills, L. 1999. Mile-a-ute. Agnote, 535. From: http://www.nt.gov.au/dpif/pubcat/ agntes/535.htm

Julien, M. H. (ed.) 1992. Biological control of weeds: .A world catalogue of agents and their target weeds (third edition). CAB International, Walling, UK. P.28.

Institute of Pacific Islands Forestry (IPIF) 2001. Pacific Island Ecosystem at Risk (PIER)Mikania micrantha. From: http://www.hear.org/pier/mimic.htm

Swarbrick, J. T. 1997. Weeds of the Pacific Islands. South Pacific Commission, Noumea, New Caledonia.

Waterhouse, D. F. 1994. Biological control of weeds: Southeast Asian propects. Australian Centre for International Agricultural Research, Canberra. p.124-135.

Waterhouse, D. F. and K. R. Norris. 1987. Biological control: pacific prospects. Inkata Press, Melbourne. p.281-287.

台灣木本植物的殺手

褐根病之診斷鑑定與防治

＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊ ◎農試所植病系　安寶貞　蔡志濃　黃秀華

一、前　言

依據近十年來筆者等之調查，褐根病爲造成台灣木本植物立枯死亡的最主要原因（約佔40-50%）。褐根病的外觀病徵可分爲慢性與急性立枯兩種，與其他病菌引起的立枯病徵相似；而根部病徵特異，罹病木材變褐色，腐朽後並長出褐色網狀線紋。病根的表皮上覆有褐色菌絲塊，並黏沾土塊石粒，故稱爲褐根病。褐根病菌*Phellinus noxius*喜酸性、高溫多濕環境，爲多犯性，在台灣的寄主記錄超過百餘種，目前該病害遍佈全台灣，但以中南部海拔八百公尺以下之貧瘠土壤較易發病，無論是果園、觀光區、校園、行道樹、或是住家庭院，均可經常見到該病害的蹤影。褐根病的傳播主要靠健康根與病根的接觸、種苗帶菌、或帶菌土壤污染，此病原菌可在殘根中存活5-10年以上。由於該病害經常被誤判，農試所近年來發展出非常簡單的診斷鑑定技術，可供農民與相關人員自行測試，即㈠觀察樹木是否出現生長衰弱情形。㈡檢查樹冠基部與裸露之根系有無長出褐色菌體。㈢檢視木材上有無褐色網紋。㈣將罹病根段密封於塑膠袋內，誘發褐色菌體產生。目前農試所正在研發利用核酸探針來偵測果樹多種根部病害（包括褐根病）的技術，成功後，將可直接測定。罹患褐根病末期的植物無法治癒，但初期染病者或是鄰近健康植株可以進行病害防治工作，包括清除病根、土壤消毒、施用尿素與鈣化合物、藥劑防治、改植抗（耐）病植物等。

該病害甚受農政單位重視，目前行政院農業委員會動植物防疫檢疫局已成立「診斷諮詢中心」，並出版「植物褐根病診斷與防治」摺頁，協助農民或其他相關人員防治該病害。近年來，台灣荔枝、龍眼、番荔枝及一些重要經濟果樹常陸續發生生長衰退、落葉、萎凋而終至枯死之現象（農民俗稱該病害爲『站著死』）。目前已證實危害果樹根部，造成植株死亡之最主要原因爲罹患褐根病（brown root rot），病原菌爲*Phellinus noxius*。此外，褐根病菌亦常危害多種觀賞植物與林木，因此無論是果園、觀光區、校園、行道樹、或是住家庭院，均經常見到該病害的蹤影。根據近十年來筆者等之調查，「褐根病」的發生比率約佔立枯型病害（decline）的40-50%左右，堪稱台灣木本植物的第一殺手。在此，將引起該病害之病菌、發病生態、診斷鑑定技術、防治方法作一簡單介紹。

作者：安研究員寶貞
聯絡電話：04-23302301-508

二、病原菌：*Phellinus noxius* (Corner)G. H. Cunnigham

本菌屬眞菌擔子菌綱，但菌絲不具扣子體。在馬鈴薯葡萄糖瓊脂（PDA）上生長時，菌絲初爲白色，而後轉成深淺不規則之褐色塊狀。部份菌絲會斷裂成節生孢子或特化成褐色的鹿角菌絲，爲其鑑定特徵。病菌在10～36℃下可生長，最適生長溫度爲24～33℃最適生長酸鹼值爲pH4.5～5.5，pH7.0以上之鹼性環境無法生長。

三、病徵

外觀病徵：慢性立枯：植株生長衰弱，出現葉片稀疏、落葉情形，病情逐日嚴重，約一、二年後死亡（圖一）。急性立枯：病株急速萎凋，樹木死亡後，乾枯的葉片與果實可停留在枯樹上數月（圖一）。此外罹病的番荔枝，會出現修剪後不萌新芽，或萌芽後立即枯萎的現象。

根部病徵：患部組織變色，與健康組織間之界限不十分明顯，而後木材褐化，數月後白腐，長有不規則之褐色網狀線紋（圖二）。病根表皮易剝離，覆有褐色菌絲塊，並黏沾土塊石粒，顯得十分粗糙，故稱爲褐根病（圖二）。由解剖病組織發現，病菌由根系向主根及莖部擴展，等蔓延至樹幹基部時，植株才死亡，病菌則繼續向樹幹蔓延，有時可向上生長數公尺以上。枯死樹幹基部並經常被白蟻蛀食。該病害之有性世代在田間較少出現，但連續降雨後，病株地際部或根部之陰濕處偶會長出子實體，爲不規則褐色之覆瓦狀，反轉孔面朝上。

四、發病生態及時期

褐根病菌喜高溫潮濕環境與酸性砂質土壤。經調查，褐根病遍佈全台灣，但以中南部海拔八百公尺以下之山坡地最易發生。重植區、新墾殖區之植株殘根未經清除，亦易誘發發病。無論是果園、觀光區、校園、行道樹、或是住家庭院，均易見到該病害的蹤影。病害傳播主要靠根系接觸、種苗帶菌、或人畜與工具攜帶病土所誘發。而植物死亡

慢性立枯：葉片稀疏落葉，植株生長衰弱，約一、二年後死亡。

急性立枯：葉片迅速黃化枯萎，植株死亡後，葉片可停留於樹上數月。

圖一、褐根病的外觀病徵

表一：近十年來台灣果樹立枯死亡病因的調查

病 害 與 病 原 菌	病害比率（%）	備 註
褐根病（*Phellinus noxius*）	40-50	海拔800公尺以下山坡地與平地
白紋羽病（*Rosellinia necatrix*）	15-20	海拔500公尺以上的高冷地區
靈芝（*Ganoderma spp.*）	15-20	病菌種類多，發病速率較慢
疫病（*Phytophthora spp.*）	~5	侷限於柑橘、酪梨、枇杷
青枯病（*Ralstonia solanacearurm*）	2-3	主要發生於番荔枝類
其他	10-15	炭化菌與其他擔子菌等

後，病原菌可在土壤殘根中存活5-10年以上。

五、寄主範圍

褐根病菌爲多犯性，寄主範圍廣泛，在國外主要危害咖啡、茶、油椰子、橡膠等。在台灣之寄主記錄超過百餘種，涵蓋多種果樹、觀賞植物與林木，重要者包括：龍眼、荔枝、枇杷、桃、梅、梨、櫻花、番荔枝（釋迦）、柿樹、楊桃、印度棗、葡萄、蘋婆類、馬拉巴栗、破布子、月橘、朱槿類、羊蹄甲、洋紫荊、艷紫荊、阿勃勒、黃金風鈴木、欅木、樟樹、木麻黃、鳳凰木、榕樹、桉樹等。

六、褐根病診斷鑑定技術

雖然，褐根病爲造成台灣樹木死亡的第一要因，然而可以引起樹木死亡者尚有其他眾多因素（表一），未免造成誤判而耽誤病害的及時防治。因此，特將多年研發之經驗，彙整成下列簡單的診斷鑑定方法，供相關人員使用：此外，農試所正在研發利用核酸探針來偵測褐根病的技術，成功後，可以直接將罹病木材研碎後測定。

下列檢查步驟依序爲：

㈠樹木出現急性或慢性立枯症狀。觀察樹冠基部與裸露之根系，如果長出褐色菌體，即可斷定罹患褐根病。如無，進行㈡之步驟。

㈡挖開土壤，如果樹根上長有褐色菌體，剝去樹皮後，組織上有網紋狀菌絲束，即可斷定罹患褐根病。如無進行㈢之步驟。

㈢將罹病根切（鋸）下一段，對半劈開，密封於塑膠袋內，於室溫下（25-30°C）經過1-2天，如爲褐根病病根，組織表面會長出褐色菌體，即可斷定爲褐根病。

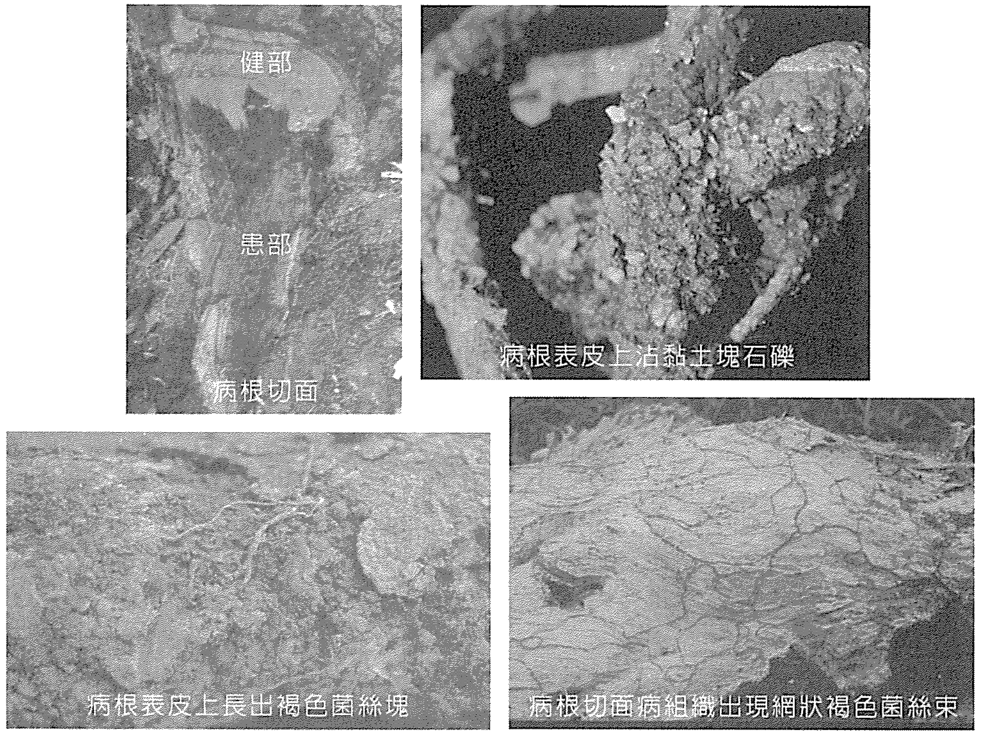
㈣進行病組織分離工作。

七、褐根病防治

罹患褐根病末期的植物無法救治，但初期染病者可以治癒，而病區內健康植株也可以進行預防工作，尤其是珍貴的百年老樹須經常檢查與進行事先防範作業，防治方法如下：

㈠新墾殖地或重植時，須以挖土機清除所有根系（包括健康者），避免殘根成爲病菌之食物基質，誘發病害。

㈡發病區處理：1.病情嚴重者須掘除，以挖土機將病根完全挖除後燒毀，同時在病株與健株間挖掘深溝以阻隔病原；重植時，土壤須經燻蒸消毒處理，或以其他無病地



圖二、褐根病的根部病徵

區的土壤置換。2.周圍之健株與病情輕微者，施用尿素、鈣化合物。同時將撲克拉、三泰芬、或滅普寧稀釋1000倍後，每三個月灌注根部一次。3.以割草機除草時，切記勿傷及樹冠與樹根，以避免病菌經機械傳播而侵入傷口，造成感染。

㈢廢耕區重植時可考慮以檬果、柑橘、黑板樹等較耐褐根病之植物爲替代植物。

㈣廢耕區可進行一個月以上的浸水處理。

八、參考文獻

安寶貞、李惠鈴、蔡志濃。1999。*Phellinus noxius* 引起果樹及觀賞植物褐根病之調查 植病會刊 8:51-60。

安寶貞、蔡志濃、王姻婷、謝美如。1999。果樹及觀賞植物對*Phellinus noxius*之抗感病性檢定 植病會刊 8:61-66。

Ann, P. J., and Ko, W. H. 1992. Decline of longan trees: Association with brown root rot caused by *Phellinus noxius*. Plant Pathol. Bull. 1:19-25.

Ann, P. J., Lee, H.L., and Huang, T. C. 1999. Brown root rot of 10 species of fruit trees caused by *Phellinus noxius* in Taiwan, Plant Dis. 83:746-750.

Chang, T. T. 1998. *Phellinus noxius* in Taiwan, distribution, host plants and the pH texture of the rhizosphere soils of infected host. Mycol. Res. 102:1085-1088.

花虻

作物授粉及生物防治的好幫手

＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊ ◎農試所應動系　吳子淦

一、花虻成蟲的用途

花虻（flower flies）是食蚜虻科（syrphidae）昆蟲的另一種稱呼，用來凸顯這一科昆蟲的成蟲和植物花朵之間，相輔相成的密切關係。花虻成蟲主要的食物是花粉和花蜜，在花上取食的時候，會揚起花粉。花虻身上也會沾上花粉，再經由遷移，將花粉傳播到花的柱頭上，達到授粉的目的。已經知道花虻可以幫助許多農作物授粉，適用的對象包括洋香瓜，檬果、龍眼、草莓、梅、茶以及十字花科蔬菜等，種類相當的多，而且效果也很好。

在自然界中，蜜蜂是最重要的授粉昆蟲。但是具有社會性組織的蜜蜂，必須擁有大面積的蜜源植物，才能夠維持群體的繁盛。而且蜜蜂有蜂針，受驚擾的時候，容易叮人。因此蜜蜂並不適合在小面積作物或是密閉網室內工作。花虻是填補這部份缺失最適合的"蟲選"。花虻成蟲腹部有白黑或黃黑相間的條紋，外觀和蜜蜂很相像。不同的是，花虻相當溫馴，沒有蜂針，不會叮人，對人畜沒有危險性。

二、花虻幼蟲的用途

花虻的種類非常的多。但是依幼蟲生活環境的不同，可以簡單的區分為三大類。

第一類，幼蟲生活在蚜蟲堆中，以捕食蚜蟲維生。單隻幼蟲就可以捕食數百隻蚜蟲，效率遠遠超越其它天敵，是很有價值的生物防治之資源。一般都以"食蚜虻"來稱呼幼蟲會捕食蚜蟲的各種花虻。

第二類，幼蟲生活在水中，取食水中的有機物質，具有"清潔"水域環境的作用。幼蟲頭部和尾端一樣粗細，尾端有一根很細長，又可以伸縮的呼吸管，管的長度是身長的數倍。當幼蟲潛藏在泥沼中的時候，就會把呼吸管伸出水面，呼吸水面上的空氣。另外自然界中還有一些呼吸管並不長的水生花虻種類。

第三類，幼蟲生活在植物的莖葉當中，潛食植物組織，形成遂道式的食痕。因為是植食性，這類幼蟲對雜草的防治具有不可忽視的潛力。

三、花虻的採集

花虻成蟲在飛翔的時候，可以藉由翅的擺動，停滯在空中同一個位置，像直升機一樣。這一個獨特的飛行特性，使花虻也被稱為"hoverfly"。在野外，我們藉由這一個飛行特性，很容易辨識出飛行中的花虻，然後追蹤採集。

食蚜虻成蟲受到蚜蟲費洛蒙氣味的吸引，會在植株附近徘徊。一方面取食花粉，另一方面是搜尋蚜蟲以便產卵。所以在蚜蟲堆中可以發現食蚜虻的幼蟲和卵。被蚜蟲為害的植株附近，也很容易採集到成蟲。雜草叢集的地方更是食蚜虻最常出沒的場所，因為雜草提供了花粉、花蜜，以及聚集在植株上的蚜蟲。

幼蟲期水生的花虻成蟲更會受到花朵的吸引。這類花虻的體型、顏色，和飛行的樣式，更接近蜜蜂。一般來講，在單一作物相的耕作區中，這一類花虻數量並不多，不容易採集得到。因為各項農事操作，往往破壞了作物區內已經少有的濕地環境，導致花虻幼蟲無處棲息。同時作物種類專一，花期固定，無法整年供應花粉及花蜜，或是園區內過度施用農藥，使花虻成蟲也不容易存在。

相形之下，農業試驗所的試驗園區環境優良，作物相複雜，終年都有不同種類的作物進入開花期，植株上也有各種蚜蟲存在，形成各類花虻最好的保育場所。例如在多數作物都進入結果期的夏季，農試所園區內還會有各類試驗作物開花。這些花吸引了各種花虻的成蟲徘徊其間，種類與數量都非常的豐富，是最佳的花虻採集地點。

四、花虻的大量繁殖技術

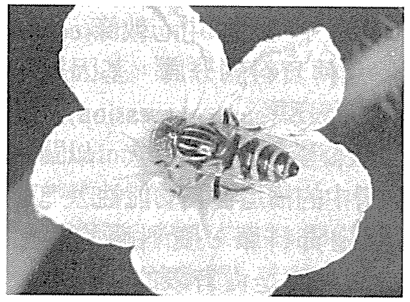
花虻具有幾個特點，使它們成為最容易大量繁殖的天敵。特點之一，不論是食蚜虻或是幼蟲期水生的花虻，成蟲都只取食花粉與花蜜，飼育條件單純，容易操作。

特點之二，花虻成蟲將卵集中產在特定的場所，因此可以大幅減少收卵器材和人力的投資耗費。這是一個最大的優點。例如，食蚜虻成蟲將卵產在有蚜蟲的葉片上。每日只要從飼育箱中抽出葉片，就可以輕易的收集到大量的卵。

特點之三，花虻幼蟲很容易飼養。食蚜虻幼蟲互相殘食的情況相當輕微，幼蟲的食餌蚜蟲也很容易取得。充裕的食餌更使食蚜虻幼蟲之間不容易發生自殘。若是水生的花虻幼蟲有群集的生活習性，不會互相吞噬，更可以集體飼養在一起，節省大量人力。

五、展　望

花虻是多功能的昆蟲，無論是成蟲或是幼蟲，在農業上都具有特殊的功用。更難得的是，花虻具備商業化大量生產的條件，也就是容易飼養、飼養成本低廉。若是能將之大量生產，然後用來防治蚜蟲，或用來協助作物授粉，必定可以提高作物品質及產量，增加農作收益。



花虻成蟲取食洋香瓜的花粉與花蜜

花虻成蟲身上沾有花粉

水生花虻幼蟲群體飼育

作者：吳助理研究員子淦
聯絡電話：04-23302301-62

基因組資料庫的開發

◎農試所農藝系　王子明　王強生

一、前 言

人類基因組是目前國際性的熱門研究課題，目的在於繪製更詳盡人類基因組的遺傳及物理圖譜，以及展示更詳盡的人類基因組DNA 序列。遺傳圖譜可以標示基因或遺傳標誌在染色體上的線性排列，主要的遺傳圖譜有：連鎖圖譜(linkage map)及物理圖譜(physical map)兩種。連鎖圖譜中遺傳標誌間的距離代表著減數分裂時標誌間的重組頻度。物理圖譜中遺傳標誌間的距離則代表位於標誌間的核苷酸數目。

人類基因組的研究具有六個主要目標：㈠建構高解析度的遺傳圖譜；㈡找出物理圖譜的變異處；㈢決定DNA的完整序列；㈣分析類似人類模式生物的特定染色體組；㈤發明自動繪圖技術，以繪製完整基因組的遺傳圖譜、物理圖譜及DNA序列；㈥發展計算工具，如程式、軟體及資料庫，以利收集、說明及傳播人類基因組龐大複雜的圖譜及序列資料。

遺傳圖譜可作為搜尋遺傳疾病基因的可靠來源，並進一步研究此等基因的構造、功能及表現。因此，新一代的高解析度的人類基因組遺傳圖譜能使醫學領域長遠進步；如遺傳諮詢、預測遺傳疾病的罹患率、診斷測試、基因治療、理論的藥物設計(rationale drug design)及藥理遺傳學上的藥物訂製(pharmacogenetic drug customization)等。基因組的研究會產生大量資料，於是美國國家衛生研究院(NIH)搜集公開發表的DNA序列，集合成為分子資料庫，即為genbank。在公元二千年二月公布的genbank分子資料庫包含 5,691,000個 DNA 片段，即等於近 5,805,000,000 DNA。人類基因組研究的當前目標是發展新一代的 DNA 定序技術，進行基因組 DNA 定序，定序的速度以指數級數的速度成長，甚至超過 DNA 的合成速度。

運算分子生物學(computational molecular biology)，即以數學計算的方式分析生物的大分子。依據分子生物學中心教條(centra dogma)，可將遺傳資料劃分為：基因組學(genomics)，基因表現(gene expression)及蛋白組學(proteomics)等三個分析層次，以闡明人類基因組圖譜中的構造性及功能性，進而分析人類基因組資料庫。資料庫的開發(database mining)就是從有限的資料中發掘，獲得有用的資訊。雖然繪製人類基因組圖譜的計算問題，可以藉由超級電腦來解決，但圖譜的繪製仍然為醫學研究上的一大挑戰。本文主要以人類基因組為範例，說明基因組資料庫的開發情形，然而，此一模式將可以應用至所有生物的基因組研究。

作者：王副研究員強生
聯絡電話：(04)23302301轉137

二、基因組學(Genomics)

基因組學係以系統性分析基因組，如生物體完整色體組數及基因組數，可分為構造組學及功能組學；構造組學係依據 DNA 序列及基因圖譜所組成，並由已知結構 DNA 序列的功能分析，獲得功能基因組學的組成資料。雖然目前人類基因組研究著重於構造組學的研究，但在基因組 DNA 定序工作接近完成時，人類基因組的研究即將進入動態的功能性研究。

基因組的資料可分為四部份，即 DNA 序列、物理圖譜、遺傳圖譜、參考目錄，應用於貯存和分析遺傳及物理圖譜。DNA 序列資料應包含解析過的分子序列。物理圖譜資料包含八個領域：序列標誌位置(sequence-tagged site)、編碼區域(coding regions)、非編碼區域、控制區域(control regions)、端粒(telomere)、著絲點(centromere)、重複片段(repeats)及中期染色體條帶(metaphase chromosome bands)。遺傳資料包含七個領域：基因座(locus)名稱、基因位置、重組距離(recombination distance)、多型性(polymorphisms)、斷裂點(breakpoints)、重組(rearrangements)及與疾病關聯性(disease association)等。參考目錄應著重於科學及醫學文獻的引用。

基因組資料依據內容可分為四類，即分子、遺傳、生物體、目錄。分子資料具有四組代表性工具：

1.European Molecular Bio-logy Laboratory Nucleotide Sequence Data Library (EMBL): http://www.embl-heidelberg.de/

2.DNA Database of Japan (DDBJ)： http://www. ddbj.nig.ac.jp/

3.Genbank16: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank /GenbankSearch.html

4.Swiss Prot: http://www.expasy.ch/sprot/sprot-top.html。遺傳資料工具有：Genome Database (GDB)：http://www.gdb.org與Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM)：http://www. ncbi.nlm.nih.gov/Omim/。

生物體資料工具有：Bacterium *Escherichia coli*. Mouse *Mus musculus*.及Mustard plant *Arabidopsis thaliana*.。目錄資料工具有：Biological Abstracts、CancerLit、Excerpta Medica (Embase)及Medline。

三、資料庫的開發 (Database Mining)

基因組資料庫是目前積極開發的資料庫，而資料庫開發的方法係由解析基因組的運算結果而來，目前正使用的方法是利用由有關基因組功能基因的已知位置及 DNA 序列來驗證未知的 DNA 序列的功能。解析基因組的運算可分構造性的解析及功能性的解析二個連續步驟。構造性解析利用基因搜尋程式(computational gene discovery algorithms)來尋找 DNA 序列中基因的開放編碼區(open reading frames, ORFs)。功能性解析則是利用已知基因功能的序列，進行相似性比對，以預測目標基因的功能。當 DNA 序列中重要的功能性位置被陸續研究出來，部份特性即以型式辨識程式(pattern-recognition algorithms)進行分析。因此，一旦 DNA 功能位置的序列完成定序，並找出專一結合的

蛋白質，例如啓動子(promoter)，型式辨識程式隨即具有發現正確位置與排除錯誤位置等兩種能力。

當 RNA 自基因組 DNA 轉錄時，隱子一顯子(intron-exon)間之界線及接合位置的確認是非常重要的。所以具有預測隱子位置的能力時，可以大幅度降低將基因組的 DNA 序列直接轉譯爲胺基酸序列的錯誤發生。而未知基因的 DNA 序列通常與已知基因有構造上的相同性，因此，在比較生物間的親緣關係上，DNA 序列的比較是一種重要的技術。多序列比對分析(multiple sequence alignment)在分析 DNA 序列的相關性上是一重要的技術，藉由 DNA 序列的範本或圖形之共同性，可以辨認功能上的相關性，並且可以進行構造的預測及將分子層次的功能性予以模式化。

多序列比對分析程式，使用動態的變異分析方法，可以正確地測量比對的品質，而比對品質是由殘基配對間的排列方式或殘基排列間的缺口(gap)存在與否所構成，合併進行運算，以求得比對的最小値。在眞核生物基因的預測上，基因搜尋程式的預測結果證明其具有一定的精確性。

四、序列相似性搜尋(Sequence Similarity Searching)

在計算分子生物學中序列相似性搜尋是一極重要的方法，因爲從分子間相同性的比對結果，可提昇至分子序列結構性或功能性的研究。基因組資料庫的搜尋結果顯示生物上重要序列的相關性，並可擬出未來研究的策略。分子序列資料庫的相同性比對能力受到五種因素影響，即運算(algorithms)、評分系統(scoring system)、比對統計學(algorithms statistics)、資料庫更新(database updates)、資料庫序列偏歪(database sequence bias)。資料庫搜尋程式是根據局部序列相似度的比對結果而來。運算方法必須平衡速度、硬體需求及生物親緣關係等競爭因子。依照特定評分系統的計算結果進行比對，而適當評分系統的使用原則是值得深思的問題。對比對的統計結果應抱有明確的懷疑，因爲資料庫搜尋程式的運算方法並非完美。因此，如何訂定統計上顯著的估值，是非常困難的。要利用正確而廣泛的序列資料庫必須進行全面性的搜尋，但選擇時所產生的偏歪影響，仍會使誤差存在於分子序列的資料庫中。所以使用資料庫搜尋程式進行目標序列與資料庫所有序列之間的配對比較時，必須要在配對相似度上設下門檻。常用的資料庫搜尋程式主要有Smith-Waterman、FASTA及BLAST等三種。

Smith-Waterman程式[http://decypher2.stanford.edu/algo-sw/SW_nn.html-ssi]使用的是動態程式，以高敏感的相似度進行比對計算。然而，這種最適用的計算工具需要執行於二次方程式(quadratic time)。FASTA [www-nbrf.georgetown.edu/pirwww/search/fasta.html]是一種近似啓發性程式，爲一級方程式的配對比較。動態程式可用於稱爲熱點(hot spots)的一連串比對計算，此一計算爲最大序列近似度比對及全球資料庫相似度評分的組合。雖然FASTA的精準度不如Smith-Waterman程式，但FASTA的執行速度較快，因此使用者必須在精準度及執行速度中做取捨。BLAST (basic local alignment search tool) [www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST]是另一種近似啓發性演算式，以進行一級配對比較。BLAST所使用的熱點策略，是使用更嚴格的限制來找出較少但較佳的比對熱點，此種策略著重於找尋不具缺口之局部高相似度區域的線性比對。由於熱點會延伸至周圍區域，即使經由數個局部相似區域鍊合所產生的缺口，對運算沒有影響。BLAST與FASTA比較具有下列優點：執行速度快、包含電腦輸出解答以及比對結果都附有統計的估值。因此，BLAST已成爲目前序列資料庫的最受歡迎的搜尋工具。最近我國工研院生醫中心亦發展一套與BLAST相似，但運算速度更快的FLAG (fast local alignment for gigabases) [http://flag.itri.org.tw/]運算系統。

五、基因表現(Gene Expression)

基因表現研究的涵義爲當基因表現時進行mRNA的定量測量，以顯示生物作用的特徵及闡明基因轉錄的機制。特別在受藥物及不穩定疾病影響的情況下，基因表現的研究爲檢測mRNA，鑑定屬於何種基因表現是分子遺傳重要的研究課題。基因表現的高效能分析技術共有：表現序列標記(expressed sequence tags, ESTs)、DNA微陣列(DNA microarrays)、扣除選殖(subtractive cloning)、差異表現(differential display)及基因表現連續分析法(serial analysis of gene expression, SAGE)等五種。高效能基因表現分析實驗有四種目的，即新基因的鑑定、病理學作用分子標誌的鑑定、潛在藥物標籤的鑑定以及就藥物遺傳學方面說明藥物治療的分子層次。高效能基因表現分析可以同步地觀察數以千計的基因以及大量的基因表現資料。進行大規模的基因表現研究有助於構造性遺傳圖譜在功能活性區域資料的補充。因此，由靜態構造性基因組資料至動態功能性染色體組資料的研究，對基因表現的資料是一個不可或缺的項目。

基因表現資料庫包含13種資料範圍，如基因表現分析、資料庫範圍、基因表現資料(包括：基因名稱、分析方法、時間的訊息、空間的訊息、定量、基因產物、資料使用者的解析、連結記載、與其他資料的連結)、網路使用許可、網路使用規定。基因表現資料庫提供整合性的資料管理及分析系統，可用於大規模基因表現實驗所得的轉錄表現資料上。但基因表現資料庫不必爲基因表現實驗資料的收集、貯存、修正以及爲疑問進行明確的定義。目前人類基因表現資料庫已經被再次檢閱。

六、基因表現資料庫的開發(Gene Expression Database Mining)

目前基因表現資料庫的開發是在確認基因表現資料的本質及相關性，有助於透視基因表現的狀態以及鑑定多基因(multiple gene)的表現，例如病理學狀態的研究。基因表現資料分析使用兩種研究方法：假設檢定及知識發現。假設檢定乃是研究生物作用中的誘導或無法預期的結果。知識發現即在發現生物資料的內部結構。知識發現提供兩種方法以進行基因表現資料分析：統計(例如群聚分析(cluster analysis)及摹擬化。資料摹擬可快速描述大型基因表現資料之群聚分析結果。

七、蛋白質組學(Proteomics)

蛋白質組學的研究目的爲進行藥物或疾病的影響下之蛋白質表現的定量分析。因此，蛋白質組學的研究採用蛋白質定量分析，以測定基因的表現，並利於描述生物作

用的特徵以及說明基因轉譯作用的機制。混合蛋白質的蛋白質組學分析有三個程序，蛋白質分析、蛋白質鑑定及蛋白質定量。蛋白質分析是使用二向式聚丙烯醯胺凝膠電泳(two-dimensional polyacrylamide gel electrophoresis)進行分析。蛋白質鑑定是以Edman解降法(edman degradation)、質譜儀(mass spectronmetry)及西方墨漬法(western immunoblotting)進行分析。蛋白質定量可以藉由掃瞄器及磷酸影像器(phosphorimager)的幫助完成。觀察基因的表現可以監看基因轉錄作用，而觀察蛋白質組的表現可以監看基因轉譯作用。由於受限於額外的二級轉譯作用，蛋白質組比基因表現有更多的限制及後轉譯的修飾作用(post-translational modification)。在目標基因表現型的研究上，蛋白質組顯得比基因表現更具說服力。因此，蛋白質組學對於功能性基因組資料庫提供比基因表現更直接的證據。

八、蛋白質組資料庫(Proteome Databases)

蛋白質組資料庫建構在數以千計基因之蛋白質產物的表現程度及特性，它提供整合性的資料管理及轉譯表現資料的分析系統，並且提供基因表現全面性研究的方法。蛋白質組資料庫的五大研究課題，如蛋白質產物豐富的關聯性、後轉譯的修飾作用、次細胞的定位、分子層次的轉移及蛋白質間的交互作用，並不能藉由DNA分析解決。因此，需要創造基因及基因產物的全面性資料庫，以便建構更深入作用機制的全面性資料庫，例如基因表現的調節作用、代謝作用的途徑及訊息的串連(signalling cascades)。

九、蛋白質組資料庫的開發(Proteome Database Mining)

蛋白質組資料庫開發的目的在於確認蛋白質組資料的本質及相關性。藉由分析複雜的蛋白質組資料庫可獲得兩個好處，即透視基因轉譯作用及後轉譯修飾作用以及鑑定複雜生物作用中複合蛋白質的表現，例如病理學狀態。目前蛋白質組資料庫的開發已經在三種實驗系統中使用：*E. coli* K-12蛋白組、人類淋巴蛋白質及藥物的毒性評估。

人類基因組的開發創造了兼具構造性及功能性的高解析度遺傳及物理圖譜，並產生了龐大數據資料，且從有限的資料中獲得有用的資訊。爲了便於管理及分析遺傳資料，而劃分出三種有效的資料分析層次，分別爲基因組學(genomics)、基因表現(gene expression)及蛋白質組學(proteomics)。基因組資料庫的開發可以驗證基因組轉譯爲蛋白質的區域，並利用已知功能的基因序列進行相似性比較，以便尋找其它未知基因的功能；而開發基因表現資料庫可以驗證基因轉錄作用的模式及相關性；開發蛋白質組資料庫可以驗證基因轉譯作用的模式及相關性。當人類基因組的DNA定序工作完成時，人類基因組開發的重點就會由靜態的構造性基因組學轉移至動態的功能性基因組學，今後基因表現及蛋白質組學的研究將成爲資料庫開發的主力。若基因組、基因表現及蛋白質組資料庫的開發彼此之間互補長短，將使資料庫的分析能力有更大的含蓋範圍，進而使得資料庫之序列比對分析得以改善，並可準確地預測蛋白質的功能及作用，例如基因表現、代謝途徑及訊息串連，而達成整合基因型及表現型製作完整圖譜的最終目的。

台灣金線連之生育習性
栽培繁殖與養生膳食(上)

◎農試所農藝系　蕭翌柱　蔡新聲

一、前　言

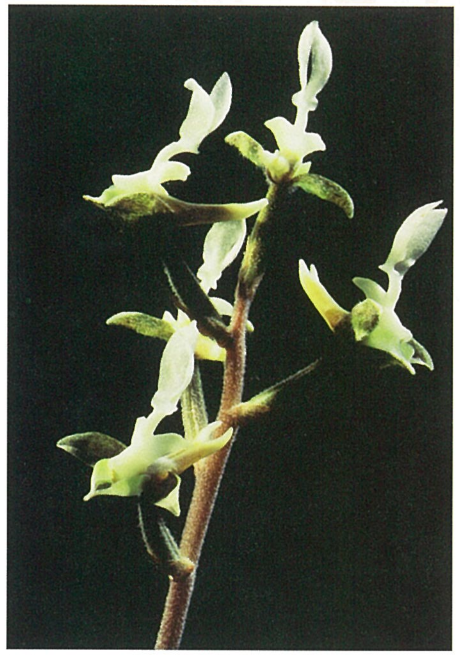
由於現代科技發展日新月異、我國經濟規模持續成長，使得國人生活水準及所得普遍提高，台灣已逐步邁向已開發國家之列。但工業的發展常伴隨著環境污染、自然生態破壞和癌症、高血壓、糖尿病等各種文明病之高罹患率，近年來社會大眾已逐漸意識到環境及飲食問題對人體健康的重要性，並積極尋找各種可能增進個人健康的方法及藥用保健植物；台灣金線連配合傳統中草藥如地骨皮(枸杞根)等，製成茶包供日常飲用以預防疾病，即爲其中之一。

台灣金線連是本國自產珍貴的中草藥(圖一)，山採新鮮全草市場零售價格每台斤約達七、八千元以上，因相傳效用廣泛故另有藥王、藥虎、鳥人蔘、本山石松、金線蓮、金線蘭、虎頭蕉、雉雞草和黃花糯子蘭等別名，英文名稱爲Taiwan jewel orchid。文獻上較早被採集的記錄，可能在西元1892-1895年間(清光緒18-21年)由英人Augustin Henry 在屏東萬金庄首先採得標本；日本人早田文藏氏則在1914年將學名發

圖一、自生於原始林蔭下之野生台灣金線連植株

作者：蕭助理翌柱
聯絡電話：04-23302301-109

圖二、台灣金線連之花朵形態



圖三、高雄(恆春)金線連之花朵形態

表為*Anoectochilus formosanus* Hayata。

全世界金線連屬的植物種類可能超過35種，本國自產供民間保健之用者有臺灣金線連和高雄金線連(或稱恆春金線連，*A. koshunensis* Hayata)。上述二種植株外觀形態極為相似甚難區別，一般多以葉脈紋路或莖節匍匐性強弱作為判斷依據，但辨識誤差率大；較明確的辨別方法是以花朵唇瓣中段部位深梳狀的構造加以區分，具有此種特性者為台灣金線連，如呈片狀者則為高雄金線連(圖二、三)。

本文主要目的在於簡要介紹多年來國內、外研究人員及相關單位對於台灣金線連生育性狀、生長習性、藥效成分分析以及生態、生理等基礎研究所獲得的初步結果，使社會大眾對於此種珍貴的本土型藥用保健植物有所認識。

二、台灣金線連植株性狀與生育習性

台灣金線連曾廣泛分佈於本國海拔高約500-1700公尺冷涼之原始林蔭處，至於竹林下堆積深厚排水良好的腐葉土層，也常見較大面積族群散生其間，其生育適溫約在20-24℃左右，如北部的北插天山、中部水社大山及南部的南仁山等地均見其蹤跡，筆者曾以光度計調查水社大山原生地中午時分日照強度約在35-2500 lux，日照強度值之所以差異較大，其原因是台灣金線連生長處，多在茂密樹林下，環境原本即陰涼昏暗，偶有日光照射時才較為明亮之故；筆者採取當地土樣檢測酸鹼值約在3.5-5.0之間，顯示土質偏酸性。

台灣金線連為蘭科金線連屬多年生草本植物，屬地生蘭類，莖節部位呈圓筒形肉質，先端直立，基部可成匍匐狀；葉互生，其長度約為5公分，寬約3公分，卵形或圓卵形，前端漸尖，平滑全緣，葉面暗綠色，葉背淺紅或紫紅色，葉柄基部薄膜狀包覆莖節及不定芽；中央主脈線條明顯，成淺黃色或黃白色，細小網狀支脈均佈於葉面，甚具觀賞價值。在本國一般於夏末秋初(十月中下旬)由莖頂部位開始抽苔開花，頂生；花莖披茸毛，總狀花序，常由下往上每隔1-1.5天依序綻開花朵；花萼近肉質；花梗連同子房部位為細長微彎下勾狀；苞片卵狀披針形，長約1公分；後萼片圓形，凸頭狀，和兩瓣片形成兜狀；側萼片卵狀長橢圓形，瓣片半卵形；唇瓣呈Y字形，隱藏於花萼內，末端白色，中間部份兩側前裂為黃色深梳狀。

台灣金線連開花的數目在野生植株多為2-7朵，但經人工培育者則可達22-24朵。筆者近年研究發現，台灣金線連開花數與植株的大小有顯著相關性，換言之，吾人若從野外採得一棵台灣金線連未開花株時，可用米達尺測量最大葉片(通常為頂端倒數第二片或第三片)之葉長與葉寬，再測出此一最大葉片基部著生處的節間直徑，將上述三個數值相乘乘積四捨五入取整數值，即可預估得知其開花數，在誤差±1朵下準確率可達95%；舉實例而言，筆者曾測得一棵台灣金線連植株最大片葉片的長、寬各為5.6和4.3公分，其莖節節間處直徑為0.9公分，所以三者乘積為21.67，經四捨五入取整數為22，待2-3個月植株開花後加以驗證，果然開有22朵花。值得一提的是，此種特殊估算開花數的方法只專用於台灣金線連和高雄金線連，對其它蘭科植物無效。

三、台灣金線連的栽培繁殖

近年來由於野外採擷台灣金線連者眾多，更因原始林地長久以來遭人為濫墾破壞、鳥獸尋覓取食，使野生族群逐年銳減；加以台灣金線連經自然授粉成熟後之種子須有適當溫度和濕度等環境條件下才能萌芽，一旦隨風散佈在乾旱地區，大約僅有3天壽命而已；即使種子能順利萌發生長，仍需經歷自然天候與物競天擇等因素重重洗練，幸運存活者須達1.5-2年株齡，才具抽苔開花繁衍子代的能力，因此，國人實應設法善加保護及繁殖此一珍貴種原，俾便在減少對自然生態造成衝擊的前提下，達到資源永續利用的目標。

以人工栽培繁殖台灣金線連雖早見報導，但組織培養大量繁殖種苗技術的精進與南投縣埔里地區產銷班的設立推廣，直到近年才迅速發展並逐漸成為一項農村新興產業。國內如中央研究院、臺灣大學、中國醫藥學院、台北醫學院、高雄醫學院及本所農藝系等單位近年也承蒙行政院國家科學委員會經費補助，除積極從事台灣金線連基原植物之收集、繁殖與鑑定外，更配合相關藥理、生理活性檢測、藥效成分分析並以大白鼠進行動物實驗，探討其保肝或清除體內自由基等之效果，皆已略見成效，相關研究論文已陸續發表中。

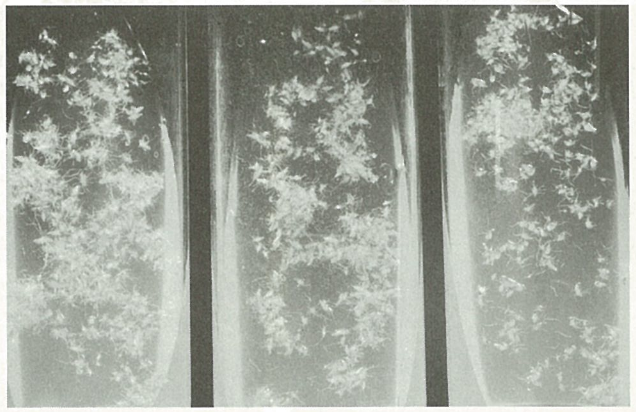
現階段以組織培養繁殖台灣金線連種苗，多先採用無菌播種方式進行，果莢來源

應以冬春之際取自原生地者爲佳，依顯微鏡鏡檢結果顯示，野生植株經自然授粉所得之成熟果莢，無菌播種後種子萌芽率將近90%，但因搜尋不易且產量有限，因此，民間業者多以人工授粉者代替，惟試驗證明，其種子萌芽率約僅50%。人工授粉種子萌芽率遠不及山採者，可能原因爲相較於僅進行一次之人工授粉，在原生地台灣金線連盛開花朵接受虫媒授粉次數較多之故。授粉的時期對種子萌芽率高低也有影響，筆者發現，台灣金線連不論是自花授粉或異株異花授粉，在花朵全開前1天到全開後10天爲授粉適期，而最佳授粉期則爲花朵全開後2-7天(圖四)，此時不僅結莢率可達85%以上，且此種果莢之種子播種後也有較高萌芽率。至於果莢成熟度也是攸關種子萌芽相當重要的影響因子，試驗顯示台灣金線連在授粉後，果莢成熟度87.5%時進行無菌播種可得到較高萌芽率；歷年調查結果發現，果莢自授粉至成熟開裂天數，常介於48-60天之間，如據此推算成熟度87.5%的最佳播種時期，應是授粉後第42-53天爲宜(圖五)。假如遇到適合採收的果莢數目衆多，但無法在短時間內播種完畢，此時可以將果莢置於5±1℃冰箱並保持高濕度狀態冷藏處理，不但可適度延長種子壽命及播種期限達21天，並可避免因乾燥環境使果莢開裂導致種子散出，造成無菌播種時消毒之困擾。

無菌播種所用之培養基種類甚多，有些學者研究建議每公升培養基採用Kundson C

圖四、台灣金線連花朵全開後2-7天之花粉塊(比例尺＝0.1cm)

圖五、台灣金線連授粉後第42天之成熟果莢(比例尺＝1cm)



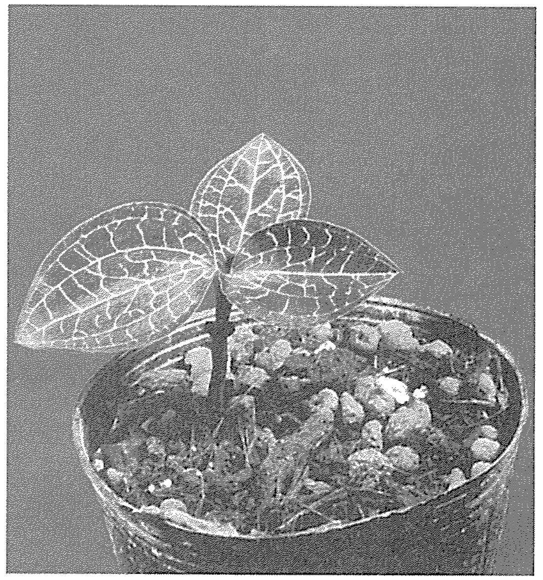
圖六、台灣金線連無菌播種後膨大萌芽的種胚

圖七、台灣金線連繼代培養後之瓶苗

圖八、台灣金線連種苗與莖節萌生之側芽

配方或花寶一號3公克爲主要營養素來源，再添加peptone 2公克、蔗糖30公克、洋菜粉9-10公克、酸鹼值調爲5.2；筆者則多以含有1/2 MS (Murashige & Skoog, 1962)之基本鹽類爲主要營養素來源，另可配合添加花寶一號及peptone各1公克來提高種子萌芽率及促進萌芽後根莖之生長。通常播種後30天即可目視呈乳白色膨大的種胚(圖六)，大小約在1-2mm之間；播種後120天，已可見到幼小根莖基部之根毛與莖節頂端的幼葉長出，根莖長度約1.5-2.5公分，此時可進行第一次繼代移植培養，將小苗移種於每公升含1/2 MS基本鹽類並添加香蕉汁80公克、活性碳粉2公克、蔗糖30公克、洋菜粉9公克、酸鹼值5.7之固體培養基上，經2-3個月培養後，苗株、根系長得更爲健壯，此時苗株約達4-5公分並有2-3片本葉(圖七、八)；取此種瓶苗經馴化培養在溫度約24-25℃、光照強度2000-3500 lux冷涼環境2-4星期後，即可移出種植於培養土中；至於使用的栽培介質有學者建議以蛇木屑2號和蛭石依5：1比例混合，但也有報導以蛇木屑、陽明山土及水苔

圖九、台灣金線連莖節部位經液體培養後，萌生許多側芽



圖十、經馴化移植於栽培介質的台灣金線連苗株

8：1：1或是蛇木屑和泥炭苔1：1種植栽培，無論栽培介質之種類和比例多寡，皆以能保水、保肥並兼具適當孔隙度避免影響根部呼吸作用者佳。

在進行台灣金線連大量繁殖研究時，除上述無菌播種法外，也可將株高5-6公分之瓶苗在無菌操作台上先以鑷子取出，再用解剖刀切去頂芽及葉片，只留下莖節部份；這些莖節可以培養於含MS基本鹽類並添加0.5g/l NAA、3g/l BA、蔗糖30公克、酸鹼值5.7之液體培養基中振盪增殖培養，在培養三個月後每個節位平均可得到6.4個新芽體(圖九)；如莖節培養於與上述相同組成分並另添加洋菜粉9-10公克之固體培養基，則培養三個月後每個節位平均可得到3.8個新芽體。新生芽體再經1-2個月培養後可以切取並扦插在固體繼代培養基上生長，待健壯根系長出後馴化移植至栽培介質(圖十)。

由於台灣金線連鮮草批發價格佳，因此農民種植興趣濃厚，但台灣金線連設施栽培發生病、虫害的比例頗高，其中又以*Fusarium oxysporum* Schl.菌感染產生之莖腐病和由*Pythium ultimum*菌引起的基腐病二種最嚴重，罹病園圃往往損失慘重；至於虫害則多見紅蜘蛛及蝸蝓吸附啃食。對於病害的控制，目前尚無有效的方式，僅能建議保持栽培環境之清潔，改善通風不良的情形，並避免栽種於高溫、高濕的環境條件下；如欲以農藥全面噴灑控制，不但效果尚待評估，且要擔負藥物殘留及危害人體的風險，因此就長遠眼光看來，積極選育優良抗病或耐病品系，才是減少用藥及控制病害的有效措施。

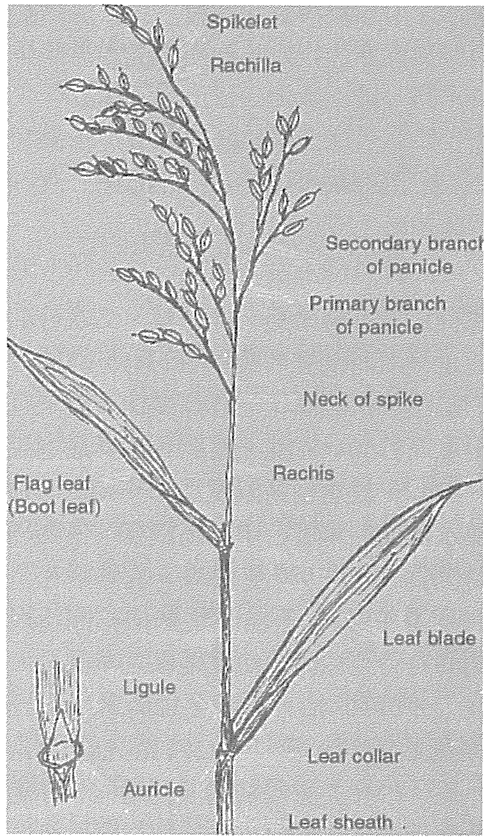
從水稻開花習性看去雄與授粉之雜交技術

* * * * * * * * * * * * * * *

◎農試所農場室　陳烈夫
◎農試所農藝系　曾東海、卓緯玄、呂椿棠

稻米為全球人民二大主要糧食之一，台灣地處亞熱帶，適合水稻生長，其栽培歷史悠久，是台灣最主要的農作物。國內有系統的改良研究工作已逾百年，歷年來品種改良與栽培技術改進之成績斐然。品種改良是在變異的族群中，選擇適合目標的個體，再歷經多期的選育與各項檢測，選出理想的品系成為推廣品種；而水稻族群變異雖自然存在，但其頻度極低，一般以人為手段增加變異，方法有人工雜交、化學誘變、放射線誘變、細胞融合及基因轉殖等，其中以人工雜交最為傳統且常用；因此，水稻雜交技術是水稻育種工作者所必須熟悉的，其作業程序通常包括選穗、去雄、授粉、套袋及掛牌等幾個主要的步驟，其中以去雄、授粉為最關鍵性的技術。

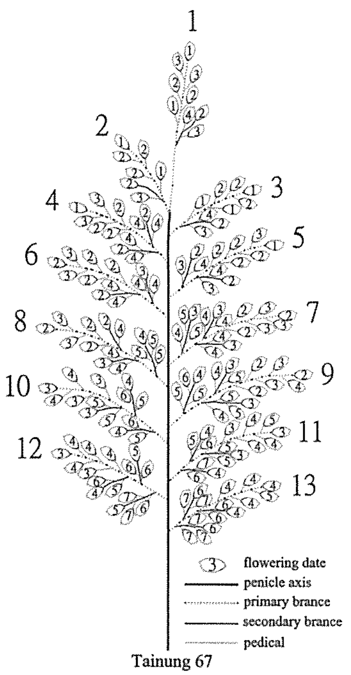
就整體雜交工作而言，水稻開花習性與水稻雜交技術頗具密切關係，因此育種工作者首先要瞭解的是，稻穗穎花究竟在一天當中何時會開花？並要求參與雜交的父母本不僅能花期相遇，而且在一天中的花時也能相同或相近；另外也應瞭解開花是否有一定之順序等問題（圖一）。一般認為稻穗穎花之開放，受環境因子所支配，如溫度、濕度、光線及其他機械刺激作用等。而稻穗穎花正常開放之時刻，因天候、地域、品種、時期而有異，水稻在各分蘗間的開花順序，通常



(Original figure by S.Iyama)

圖一、稻穗各部位名稱

作者：陳助理烈夫
聯絡電話：04-23302301-751



(Original figure by W.S.Jwo)

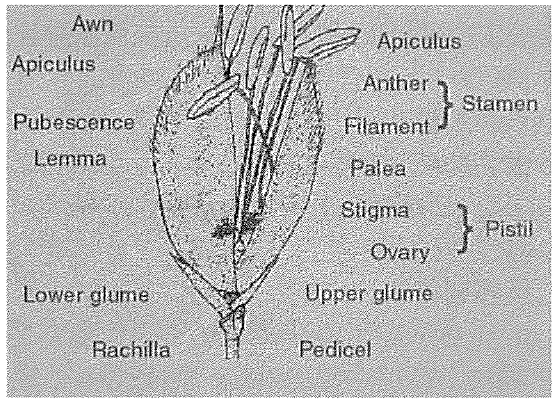
圖二、稻穗穎花開花順序

以主稈爲先，再來是一次分蘗、二次分蘗依序爲之，其時間差異因品種(系)不同而有極大的差距。水稻穎花需在溫度20℃以上且相對濕度高於60% 才能正常開花，其最適溫度28～32℃，最適相對濕度爲80～90% 。1915年磯永吉氏在本省台中地區觀察，早熟稻開花時間爲約上午9時至12時，晚熟稻在上午10時至下午2時，不論早晚熟稻其開花最盛時間爲11時至12時；台北地區之早熟稻，通常在上午9時開始，11時至12時最盛，正午後開花數驟減，至下午2時則完全停止開放。王（1948）認爲稻的開花過程，亦隨品種及地域而異，觀察本省稻穎從開始張開至完全閉合之時間與溫度有關，溫度高則開花集中，溫度低則每日開花時間可延長約爲一小時四十分鐘。又據Nagato（1941）觀察稻穗穎花開花順序（圖二），大都爲由上而下逐日開放，枝梗中第一粒穎花先開，第六粒次開而後由下至上逆序進行，第二粒最後開放；分生的小枝梗上，亦爲第一粒穎花先開，第三粒次之，第二粒後開。一般而言，一穗中不結實者常爲後開之穎花，因此雜交時宜選擇枝梗上部位之穎花，除去第二粒及下部位小枝梗之穎花，小枝梗上第二粒之弱勢粒尤須剪除，這是育種工作者所必須掌握的。現僅將去雄、授粉這兩個環節技術之原理扼要論述，以提供水稻雜交育種或水稻開花生理與生態研究上之參考。

一、去雄方法

雜交技術中去雄的方法可分爲個體去雄與集體去雄兩大類，其實際作法有開穎去雄、剪穎去雄、溫水去雄、暗室去雄、溫水暗室併用去雄、熱氣去雄及吸藥去雄等幾種方法，每種方法各有其優缺點，就育種工作者之目的以及方便性加以選擇使用，玆分別說明如下：

㈠開穎去雄法：研究指出光線的種類對開花雖不及溫度及濕度影響大，但仍受其影響，此法是利用橙色或其他光線亦可促進開穎之原理，藉由有色紙袋作遮蓋促進開穎，因已知支配開穎之因子主要在於濕度，而支配開裂花藥之因子主要在於溫度，兩者明顯不同，若能使穎花張開而花藥仍未裂開，則可妥善處理除雄而不傷其生殖及保護器官，達到去雄之目的。因此欲提早開穎時間而使花藥尚未開裂，則可選擇當日開花最多的穗，於正常開花前1～2小時，用橙色紙袋套於穗上，並於袋之下方放入吸水脫脂棉一小片，以保持適當濕度，再以迴紋針挾緊袋口，在一般稻穗開花時，取下所套之紙袋，則見各花盛開而花藥雖突出但未開裂，此時可用鑷子除去各穎花之六本雄蕊（圖三），惟須注意不可傷到柱頭，粉囊尤不可破裂，去雄後並剪去未開之穎花，用透光紙袋套上，在袋內穗之基部包一吸水棉片，以保持適宜濕度而防乾燥等待授粉。此法之缺點爲耗費人工，不宜大量進行。



(Original figure by S.Iyama)

圖三、穎花各部位名稱

㈡剪穎去雄法：其操作簡便且實用爲水稻育種應用最多的方法之一，但亦有本身難以克服之缺點，那就是將穎花中的花藥完全剪去的同時，很容易傷及雌蕊柱頭，一般情況下，雌蕊柱頭在穎殼中低於雄蕊花藥，但很多水稻品種也存在著柱頭與花藥齊平或稍爲低下的情形，去雄時難以保證不傷及柱頭，柱頭一旦被損傷，則導致雜交失敗。改良式剪穎去雄法是將水稻穎殼中的雄蕊花藥完全剪去改變爲剪去一半或更少，總之是要將花藥剪破，然後馬上向剪雄後的穎殼內噴水，將花藥弄濕，由於雄蕊被弄濕，濕度增加，花絲很快就會伸長，花藥因而伸出穎殼，此時可用手指輕彈數下，乾癟的花藥都會被彈掉，然後套上紙袋等待授粉。由於改良式剪穎的高度提高，傷及雌蕊柱頭的可能性降低，相對地可提高雜交的成功率。

㈢溫水去雄法：此法是以容器盛43℃溫水，將快要開花之稻穗斜置於溫水中，並以長頸漏斗和溫度計插入水瓶中，在10分鐘內隨時注意水溫之維持，以熱水經由漏斗徐徐加入容器中，以維持水溫不變，達到完全殺死雄蕊的目的；更專業之作法則利用自動控溫的水浴器，以對溫度的控制更有效地掌握。經溫水去雄後不久，即可見花開纍纍，此時剪去未開之穎花，即可進行授粉。該法原理爲在40～44℃之溫水中7～10分鐘，花粉可全部殺死，而雌蕊無損傷；9～39 ℃之溫水對花粉無礙，44℃以上之溫水則使花之各部皆受損傷。因此，必須密切注意溫度與水浴時間，時間過短或溫度太低，花粉不能完全殺死，時間過長或溫度過高，又恐傷及柱頭，都會降低雜交之成功率。此法之優點爲雜交後不必常罩紙袋，籽粒可發育健全，但須待父本開花後才開始處理母本，若遇母本穎花已閉合，父本才開花之組合則無法採用此法，爲彌補此缺點，可採用溫水去雄剪穎併行法，其法爲經溫水去雄後剪去開花之穎約三分之一，如此雖母本已閉穎但不影響授粉工作，處理母本時不必考慮父本的開花狀況，時間較充裕，可同時處理較多的組合。

㈣熱氣去雄法：此法是攜帶熱水瓶兩個，其

一盛50℃熱水，另一爲空瓶，並準備可斜放熱水瓶之三角架、溫度計、剪刀各一支，棉花少許，選擇將開花之稻穗，透視日光見穎內花藥已伸高約三分之二至頂端高度，將一熱水瓶之溫水倒入另一空熱水瓶中，以溫度計測量所剩之空瓶中溫度約在44℃左右，即將母穗斜插於瓶內，以棉花塞其瓶口，經10分鐘後其花粉已被熱氣殺死，再將其取出，每穗選留開花較佳之穎花，其餘剪去而等待授粉。此法利用之原理與溫水去雄法相同，但其處理規模則更小。

(五)暗室去雄法：此法係利用搬入暗室以促進開花之原理，首先將母本個別盆栽，或將栽植於田間至孕穗尚未抽穗時的母本，連土整株掘起移植於缽內，然後在實行雜交之前一日，選擇已抽穗且預測其翌日能開花之植株提取應用，第二日於稻花正常開放前2～3小時，將第一日已選定之母本盆缽直接移置於黑暗交配室中。通常母本移入暗室後數分鐘即可見稻花開放，此時花絲伸長、花藥吐出於外穎外，但粉囊並未開裂，故交配者可用尖銳之鑷子，輕輕夾住花絲除去花藥，並將未開(已自花授粉或未成熟)之穎花一律剪去，然後套以紙袋準備授粉。

(六)溫水暗室併用去雄法（渡邊忠夫法）：此法爲改良溫水去雄交配法，是在溫水去雄法的基礎上，同時利用加茂巖氏所建議之光強度變化來提高稻穗開花的效果，以促使父本開花，並調節母本去雄開花與父本開花時間，把授粉的操作最簡單化，省卻了勞力和手續而得到了許多便利。該法原理爲於交配前一日選取母本，移植盆缽中並置於室內，當日早上再採集父穗插於水瓶並置於日光照射之處，在母本溫水處理前，將父穗移於室內暗箱中以促其開花，如同溫水去雄法一般處理，將母本連缽向一方傾斜，以便將母穗浸於43℃溫水中處理10分鐘，母穗已成熟之花均開放，套以紙袋保存，未開之花一律剪去，再將暗箱中原置之父穗近置於母穗上，取去其紙袋並輕輕振搖已開放花粉之父穗，則其花粉即紛紛落於母穗花上，授粉工作於是完成。

(七)吸藥去雄法：此法是先將穎端剪去稍許，再用粉囊吸取器之嘴插入穎內，以減壓之方法吸取花藥，但須注意切勿損傷柱頭。

二、授粉方法

在交配前選擇出鞘後約2～3日之健全父本稻穗，從穗之基部下10～20公分處切取之，集合數穗後插於水瓶中，俟花藥開裂時在母穗上抖動，使花粉直接輕輕震落於已除雄之柱頭上，達到授粉之目的；但應注意取穗時間，太早取穗，其穎花開放較少，恐花粉量不足，但太晚取穗，將因相互碰撞及在風吹的情況下，將使花粉散落無存，導致雜交效果不理想。改良方法可將父本同時挖回，將其稻穗與處理過之母穗一齊套入紙袋中，當父本稻穗大量開花時抖動父本，父本的花粉就不會有任何損失。

檢視大規模的水稻雜交工作，其困難不在於去雄或授粉之實際作業工作，而是在時間與材料的選擇。培育適當的父母本植株，爲雜交成功的首要，因此爲使父母本可望同期開花，必須分期插植父母本，以達花期一致。其次，選擇雜交材料應以當日達盛花期者爲佳，一般以該株多數之分蘗約25～30%之穎花已開花爲主，而不以穗抽出程度做依據。再者如何調控父母本每日之開花時間，亦爲雜交效率的關鍵，在自然狀況下，稻穗穎花之開啓與花粉之散落配合良好，但母本的去雄工作必須在稻穗穎花正常開放之前進行，以避免自花授精，父穗之採集亦需於開花前進行，以免花粉散落；若因品種、氣候環境上的差異，常常在母本穎花閉合之前，父穗的花藥尚未裂開，或偶而母本在未完成整穗(去雄、剪除已授粉及未成熟穎花)之前，父穗的花粉已經散落，使雜交的工作難以順利進行，尤其是集體授粉法，更必須於稻穗穎花之內外穎閉合以前進行，否則穎花不能結實。爲能達到延遲稻穗穎花閉穎的時間，可將整穗後之母本噴水，然後用大型之塑膠袋套起來，延長穎花開啓時間；或用暗室法處理父穗，利用光線突然減少以促其開花。偶或遇天氣不良之情況下，因受水稻開花期之限制，有時亦得進行人工雜交，此時可將母本按一般法處理，父穗於正常開花前採回，置於30℃左右之恆溫箱內，恆溫箱內應加水以提高濕度，使花藥不開裂，便於花粉保存，當母本處理完畢，父本多數穎花已開，取出父穗，以燈光照射，促使花藥開裂，再進行授粉工作。或有父穗花藥成熟時，母本穎花已經閉合，則可將已閉合之穎花尖端剪一小洞，洞長約爲穎花全長五分之一，以利授粉而不影響其結實。綜合前述，育種工作者若能依據個別需求，愼選適當的去雄及授粉方式，則當可提高雜交之效率性。特別要注意的是，水稻各品種(系)之開花習性雖有前人之研究可供參考，但品種(系)間仍有若干的差異，尤其是父母本之親緣差異較大之組合，故雜交前應對擬採用之親本多觀察瞭解其特性，選擇適當的親本或進行恰當的栽培管理，如此才可提高雜交成功率，進而提高育種效率。

三、參考文獻

王啓柱。1948。水稻開花習性之研究。農報 2：206-254。

胡穎哲。1947。水稻出穗開花時間之新檢討。農報 1：17-21。

湯文通、萬雄。1947。本所之稻作雜交新法。農報 1：8-9。

彭金波。2000。淺論一種高效便捷的水稻雜交新技術。中國稻米 3：13。

渡邊忠夫。1951。水稻交配新法--改良溫湯去雄交配法。臺灣農林 5：23-25。

鄭耀宗、許東暉。1973。改良式水稻雜交法。農業研究 22：1-5。

蒯建敏、莫惠棟、惠大豐。1994。水稻花時與氣象因子的關係。中國水稻科學 8：79-84。

趙傳纓。1953。介紹熱氣法稻作人工授粉。臺灣農林 7：24。

Jodon, N.E. 1938. Experiments on artificial hybridization of rice. Agron. J. 30:294-305.

Nagato, K. 1941. An investigation in maturity of rice kernels in relation to the location on flower panicles of the plant. Proc. Crop Sci. Japan 13:156-169.

Ramiah, K. 1927. Artificial hybridization in rice. Agron. J. India 22:17.

Sharngapani, S.G. 1924. A few observations on paddy（*Oryza sativa*）crossing. Agron. J. India 19:48-50.

豌豆 遺傳資源

◎農試所園藝系　楊偉正
◎種苗繁殖改良場　蕭吉雄

一、起　源

豌豆學名爲 *Pisum sativum* L.，別名荷蘭豆，爲一年或二年生草本植物，染色體2n=2x=14，原產於埃塞俄比亞、地中海沿岸和亞洲中部；但有學者認爲豌豆是起源於高加索南部至伊朗。豌豆由原產地向東傳入印度北部，經中亞細亞到中國、日本，新大陸發現後，再傳入美國。豌豆屬有8個種，分別爲分*Pisum sativum* (garden pea or ornamental pea)，*P. aucheri* (aucher pea)，*P. elatius* (mediterranean pea)，*P. arvense* (field pea)，*P. abyssinicum* (abyssinian pea)，*P. syriacum* (syrian pea)，*P. humile* (dwarf pea) 和 *P. fulvum* (red yellow pea)。豌豆在漢朝時傳入中國，目前在中國大陸各地栽培極爲普遍，台灣相傳由荷蘭人引進，據89年農業統計年報統計，全省豌豆栽培面積有1,641公頃，產值約新台幣538,646仟元，其中嫩莢和嫩豆主要栽培地區在彰化縣，豆苗主要產區在嘉義縣。

二、植物性狀

豌豆爲直根系，側根少，直根深入土中1-2公尺，根系吸收力強，能吸收難溶性的化合物，根瘤菌多集中在土層1公尺內的主根上：莖近四方形，中空，種子發芽時，下胚軸不伸長，子葉留在土中，上胚軸伸長使幼苗出土，葉爲偶數羽狀複葉，互生，由1-3對小葉組成，頂端1-2對小葉退化，變成卷鬚，互相纏繞攀緣，葉面有腊質或白粉，葉柄基部附生一對托葉，花白色或紫色，單生或對生於葉腋處，總狀花序，蝶形花，龍骨瓣內有10個雄蕊，其中9個連合，1 個分離，雌蕊1枚，自花授粉作物，在炎熱乾旱的氣候環境下，會有10%左右的雜交率。果莢濃綠色或綠色，果莢扁平，長橢圓形，向腹部彎曲或稍直，莢果有軟硬之分，軟莢果的內果皮柔軟可食，果莢老熟後，果皮乾縮果莢不會開裂；硬莢果的內果皮有厚膜組織，果莢不能食用，必需撕除果皮食其豆仁，硬莢果老熟後果莢會開裂，每莢有5-9粒種子。

三、生長習性

豌豆屬半耐寒性植物，不耐熱，高溫雖能促進早熟，但品質降低，產量會減少，豌豆耐寒性雖強，然生育期間溫度過低時，除影響植株的生育速度外，尚會減少開花數，幼嫩果莢亦會受到凍傷。豌豆生育期短，植株發育快速，整個生長過程可分爲兩個階

作者：楊副研究員偉正
聯絡電話：04-23302301轉328

段，即營養生長期和生殖生長期。營養生長又分發芽期，幼苗期和抽蔓期，每個時期的適宜溫度都不一樣，發芽期適溫爲18-20℃，幼苗期爲豌豆生育期間，較能忍受低溫而不致凍死的時期，抽蔓期適溫爲12-20℃。開花期適溫爲15-18℃，莢果成熟期的適溫爲18-20℃，溫度高於26℃時，植株生育衰弱，容易發生病害，降低結莢率。豌豆爲長日照作物，但有些品種在長日照或短日照下也能開花，豌豆開花結莢期間需要較多的水份，乾旱會造成減產。豌豆根部分泌物會影響次作根瘤菌的活動和根系的生長，因此不可連作，必須和其他不同科的作物輪作。

四、豌豆分類

豌豆類型依食用部分別區分，可分爲豆苗(嫩梢)種、豆芽(豆嬰)種、嫩莢種、嫩豆種和甜豌豆種等；依植株型態別區分，可分爲蔓性、半蔓性和矮性等；依食用別區分，可分爲豆莢用類型和豆仁用類型等；依豆莢顏色別區分，可分爲黃綠色、綠色和濃綠色等；依種子外表性質別區分，可分爲光粒種和皺粒種；依種子顏色別區分，可分爲綠色種、黃色種、白色種、褐色種和紫色種。

五、遺傳資源

豌豆種原相當豐富，地中海地區爲豌豆種原中心，蘊藏著各色各樣的豌豆種原，如豌豆野生種、地方種、近緣種、老舊品種、新品種、自交品系和變異品系等。在瑞典、美國、德國和英國等國家都有收集和保存大量的豌豆種原。育種家利用了這些抗病和抗蟲種原，育成了抗病、抗蟲的豌豆新品種。位於倫德市的Nordic Gene Bank(瑞典東南部的一個城市)爲世界最大的豌豆種原銀行，裡面保存著各種形形色色的豌豆種原。Blixt and Williams認爲豌豆種原的收集和保存主要在：㈠抗多種病蟲害種原的收集，㈡野生種和原原種種原的收集，㈢自交系的收集和㈣變異品系的收集。

六、豌豆抗病蟲種原及其遺傳基因

豌豆栽培期間，容易受眞菌、細菌等病和蟲所爲害。豌豆主要病蟲害有萎凋病(fusarium wilt)其病原菌爲*Fusarium oxysporum*，根腐病(root rot)主要係由鐮胞菌(*Fusarium solani* f. sp. *Pisi*)以及少數的立枯絲核菌(*Rhizoctonia solani*)和腐霉菌(*Pythium ultimum*)所引起，白粉病(powdery mildew)其病原菌爲*Erysiphe polygoni*，莖腐病(stem rot)，葉枯病(ascochyta blight)，濕腐病(choanephora wet)等病害和台灣花薊馬(flower thrips)，番茄斑潛蠅(tomato leaf miner)，甜菜夜蛾(beet amyworm)，豌豆蚜(pea aphid)，豆莢螟(bean pod borer)等蟲害。有的病害還有一些病理小種，如*Fusarium oxysporum* f. sp. *Pisi*有2個病理小種，*Ascochyta pisi* 有5個病理小種，*Mycosphaerella pinode* 有5個病理小種，*Peronospora pisi* 卻有12個病理小種，病理小種愈多，抗病品種愈容易失掉其抗病性。抗病蟲害品種的育成可經由雜交育種而獲得，如白粉病和萎凋病之抗病商業品種係由於找到抗該病害之種原而育成；根腐病抗病種原的獲得，係由於人工接種篩選豌豆品種，而獲得K7794，R4006和‘Nobless’等三個品種對根腐病具有抗性；立枯病抗病基因與子

葉缺乏花青素有關聯性，子葉缺乏花青素的品種對立枯病具有抗性。在抗蟲方面，LMR4，LMR10，LMR20等品系被鑑定為對斑潛蠅具有抗性，並了解到其抗蟲基因係隱性基因，此外尚有一些種原對病害和蟲害都具有抗性，例如JP 179對白粉病、萎凋病等病害和斑潛蠅等蟲害均具有抗性。一般來說，豌豆抗病蟲害品種之育成可藉由(一)引種，(二)選種—混合選種、單株或純系選種，(三)雜交育種—譜系育種、混合育種、單籽後裔育種，和(四)回交育種等方法加以育成。不過在進行豌豆抗病蟲育種時，應需了解豌豆抗病蟲之遺傳性、抗病蟲品種之篩選及抗病蟲種原之利用等，茲將豌豆之抗病蟲種原和抗病蟲性遺傳基因分別於表一、表二列出，以供豌豆抗病蟲害育種者參考。

七、豌豆重要性狀遺傳基因及其所控制的園藝性狀

豌豆的園藝性狀可經由遺傳基因傳遞到子代，如果想將某一園藝性狀結合或轉移到另一品種時，就必需了解控制該性狀基因的顯隱性和基因的數目，一般來說，所控制的性狀若為顯性基因，該性狀在F_1世代就會表現出來，而隱性基因必需在F_2分離世代時，才會出現；控制某一性狀的基因數愈多，分離世代需種植較多的植株，才可選到所要的性狀。因此，在進行豌豆品種改良時，首先必需了解控制性狀的遺傳行為，如該性狀係少數對主效基因控制或多數對微效基因控制，細胞質控制或細胞核控制，量的遺傳或質的遺傳，顯性基因或隱性基因等均需詳加了解，依其各種控制基因的形式，採用適宜方法，進行品種改良。茲將豌豆重要性狀遺傳基因及其所控制的重要園藝性狀例在表三，供豌豆品種改良研究人員參考。

表一、豌豆之抗病種原及其遺傳基因（上）

Diseases	Pathogens	Sources of resistance	Genetic
Fusarium root rot	*Fusarium solani* f. sp. *Pisi*	PI 140165, PI 183910 PI 194006, PI 210257 PI 223385	*Fw, Fnw*基因所控制
Fusarium root rot	*Fusarium oxysporumi*	Dia, Nike, K7589, R4006, Helia	-----
Brown root of peas	*Fusarium solani* f. sp. *Pisi*	-----	Single gene Resistance was dominant
Damping-off	*Pythium ultimum*	Accessopms 140165 183910, 19404, Minnesota 494 A II	-----
Powdery mildew	*Erysiphe pisi*	Continental, JP501, VP 7906 PH1-1, HWVP 1	*er*(single gene recessive) *er* 2

表一、豌豆之抗病種原及其遺傳基因（下）

Diseases	Pathogens	Sources of resistance	Genetic
Rust	*Uromyces fabae*	JP Batri Brown 3, JP Batri Brown 4	Single dominant gene
Wilt	*Fusarium oxysporum* f. sp. *Pisi.*		
	Race 1	New Era, LMR 20, Kala Nagni, JP 501, LMR 110.	*Fw*
	Race 2	-----	*Fnw*
Downy mildew	*Peronosopra pisi*	Dark Skin perfection	Single dominant
Ascochyta blight	*Ascochyta pisi*	Kinnauri, K 1632, K 3055, K 5072, K 5117	Duplicate factor One dominant gene
Pea root rot	*Aphanomyces euteiches*	PI 166159, PI 167250 PI 169604, PI 180693 PI 180868 Minnesota 494	Single dominant gene or linked polygenes with *le* or *pl*
Bacterial brown Pseudomonas Spot of pea	*Pseudomonas syringae* pv. *Pisi*	-----	Comples system
Bacterial blight	*Pseudomonas syringae* pv. *Pisi*	Onward and 3080 Resistance to both Race	Single dominant gene(race 1)
Bean yellow mosaic Virus	Virus	Bonneville Wisconsin Perfection	Single recessive *(mo)*
Top yellow virus	Virus	-----	Monogenic recessive
Pea leaf-roll virus	Virus	Rando, Novette, Starlett	Single recessive
Pea streak virus	Virus	-----	Single recessive *(mo)*
Pea mosaic virus	Virus	Perfection type	Single recessive *(pmv)*
Bean virus 2	Virus	New Era, Wisconsin, Perfection	Single recessive
Pea seed-borne Mosaic virus	Virus	Psb, Mv-Pam, Psbmv-P4, X 78122, X 78123, X 78124, X 78125, X 78126, X 78128	A recessive factor *(sbm)*

表二、豌豆之抗蟲種原

Common name	Scientific name	Sources of resistance	Genetic
Leaf miner	*Melanagromyza conavistae*	LMR 4, LMR 10, LMR 20	Recessive factors
Pea aphid	*Acyrthosiphon pisum*		
Pea weevil	*Sitona lineatus*	PI 196027, PI 244241, PI 244254, PI 244263, PI 273036, PI 280612,	2

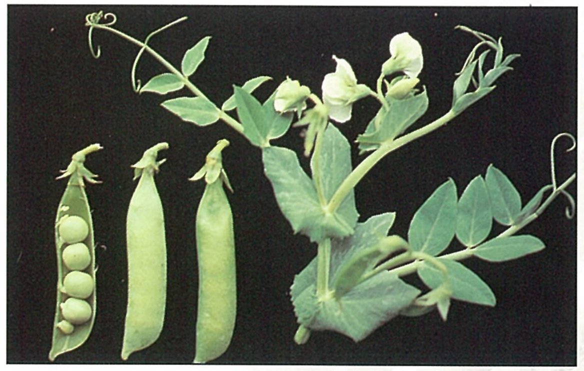
表三、豌豆重要性狀遺傳基因及其所控制的重要園藝性狀

基因符號	園藝性狀	基因符號	園藝性狀
a	缺花青素。	*Fw*	抗萎凋病生理小種1。
af	小葉片呈捲鬚。	*i*	子葉綠色，I爲子葉黃色。
alb	白苗，植株缺葉綠素。	*It*	增加種子寬度25%。
au	幼苗金黃色。	*K*	翼瓣正常，*k* 翼瓣成龍骨狀。
b	粉紅色花。	*la*	與 *cry, le* 影響節間長度和株高。
Bt	果莢尾端鈍形。	*le*	與 *cry, la* 影響節間長度和株高。
cock	稔性降低。	*M*	與 *A, Z, Mp* 使種皮棕色大理色斑紋。
Com	影響莢果曲度。	*No*	與 *Nod* 影響節間的形成。
com	種子腹部扁平。	*Pl*	與 *A, Ar, B* 爲種皮黑色。
cri	葉，托葉，花，莢果摺疊和捲緊。	*Pu*	與 *A, Pur* 紫色莢果。
cry	與 *la, le* 影響節間長度和株高。	*Pur*	與 *A, Pu* 紫色莢果。
d	葉腋綠色。	*r*	子葉扭曲。
En	具嵌紋病抗性。	r_b	子葉扭曲。
er-1	具豌豆白粉病抗性。	*ram*	增加側枝數。
F	種皮上有紫斑。	*S*	種子和莢果容易剝離，*s* 種子和莢果粘連。
fa	與 *fas* 成莖帶化。	*sbm*	抗豌豆種子傳播性嵌紋病毒。
fas	與 *fa* 成莖帶化。	*U*	與 *A, z* 爲種皮紫色。
fl	葉片或托葉無斑點或小斑點。	*um*	小葉邊緣波浪狀。
fn	與 *fna* 決定花序上花數。	*wa*	莢果，托葉，小葉無臘質。
fna	與 *fn* 決定花序上花數。	*wb*	莢果無臘質。
Fnw	抗萎凋病生理小種2。	*wel*	植株缺臘質。
fr	與 *fru* 決定基部側枝數。	*yp*	黃色花粉。
fru	與 *fr* 決定基部側枝數。	*Z*	種皮顏色基因，A+Z 紅色，*z* 爲無色。

豌豆品種

豆莢用豌豆品種—台中9號(郭俊毅提供)

豆苗用豌豆品種—黑目(郭俊毅提供)


豆仁用豌豆品種—白仁(郭俊毅提供)

甜豌豆品種—台中13號(郭俊毅提供)